

PATENT ABSTRACTS OF JAPAN

(11)Publication number : 02-208579

(43)Date of publication of application : 20.08.1990

(51)Int.Cl. G01R 33/28
G01N 24/12

(21)Application number : 01-029261 (71)Applicant : JEOL LTD

(22)Date of filing : 07.02.1989 (72)Inventor : NAKAMURA HARUKI
NAGAYAMA KUNI AKI
YAMAZAKI TOSHIO

(54) METHOD FOR ANALYZING PROTEIN STRUCTURE

(57)Abstract:

PURPOSE: To make it possible to analyze the structure of protein having the large molecular weight accurately by performing three-dimensional NMR measurement of 15N-1 different nuclides for specimen to be checked incorporating the protein labeled as 2H and 15N.

CONSTITUTION: Three-dimensional NMR of 15N-1 is performed for a specimen to be checked incorporating protein labeled as 2H and 15N. At first HMQC- COSY is performed.

With respect to separated peak, amino-acid spin based identification is performed. Then, NOESY-HMQC is performed. The linking data of the neighboring amino acid are obtained based on the obtained spectrum. The linking data of the amino acid in NMR obtained in both measurements are compared with the arrangement of the amino acid of a known primary structure, and attribution is determined. In this way, the structure can be accurately analyzed even for the protein specimen having the large molecular weight.

LEGAL STATUS

[Date of request for examination]

[Date of sending the examiner's decision of rejection]

[Kind of final disposal of application other than the examiner's decision of rejection or application converted registration]

[Date of final disposal for application]

[Patent number]

[Date of registration]

[Number of appeal against examiner's
decision of rejection]

[Date of requesting appeal against examiner's
decision of rejection]

[Date of extinction of right]

⑨日本国特許庁 (JP) ⑩特許出願公開
⑪公開特許公報 (A) 平2-208579

⑫Int.Cl.
G 01 R 33/28
G 01 N 24/12

識別記号 施内整理番号

⑬公開 平成2年(1990)8月20日

7621-2G G 01 N 24/02
7621-2G 24/12

U
M

審査請求 未請求 請求項の数 1 (全5頁)

⑭発明の名称 蛋白質の構造解析方法

⑮特 願 平1-29261
⑯出 願 平1(1989)2月7日

⑰発明者 中村 春木 大阪府吹田市古江台6-2-3 株式会社蛋白工学研究所
内

⑰発明者 永山 国昭 東京都昭島市武蔵野3丁目1番2号 日本電子株式会社内

⑰発明者 山崎 俊夫 東京都昭島市武蔵野3丁目1番2号 日本電子株式会社内

⑰出願人 日本電子株式会社 東京都昭島市武蔵野3丁目1番2号

月日 類別

1. 発明の名称

蛋白質の構造解析方法

2. 特許請求の範囲

(1) ^1H ラベル及び ^1N ラベルされた蛋白質を含む被検試料について ^1N - ^1H 異核種3次元NMR測定を行い、得られたデータに基づいて構造解析を行うことを特徴とする蛋白質の構造解析方法。

3. 発明の詳細な説明

【産業上の利用分野】

本発明は、核磁気共鳴(NMR)スペクトルに基づいて蛋白質の構造解析を行う際に用いられる構造解析方法に関するものである。

【従来技術】

NMRを利用した蛋白質の構造解析方法が、スイスのWüthrich等により開発されている。この方法は、COSYタイプ及びNOEタイプの2次元NMRを用いると共に、蛋白質の化学構造の特異性を考慮し、3つのステップからなる一般的な

構造解析方法である。

例えば、第2図(a)に示すような ^1H -NMRスペクトルが、同図(b)に示すような蛋白質について得られたとする。このスペクトル中の各ピークが具体的に第2図(b)のペプチドのどの水素に由来しているのかを確定するのが易風問題である。

2次元NMRを利用した上記従来法では、それを次の3つのステップで行う。

(1) COSY 2次元NMRスペクトルもしくはその類似スペクトルで各アミノ酸に属するスピニ系を固定する。その際、第3図のような2次元パターンが利用される。

(2) 関接するアミノ酸のつながりの情報を得るために、NOESY 2次元NMRスペクトルを測定する。その際、第4図に示すアミド水素(NH)の隣接基とのNOEが利用される。

(3) (1), (2)で得たNMR的アミノ酸のつながりの情報を既知の一次構造のアミノ酸配列(第2図(b))と比較し帰属を決定する。